PRESSÃO SELETIVA

Animal

Lobo-cinzento (**Canis lupus**)

Pressão e adaptação

A **construção de rodovias** provocou a fragmentação de habitat, isolando populações. Para sobreviver com menos presas, os lobos adaptaram sua fisiologia reduzindo o gasto energético basal e alterando o metabolismo de gorduras.

PRESSÃO SELETIVA

Animal

Gorila-da-montanha (**Gorilla beringei**)

Pressão e adaptação

A **introdução de espécies exóticas** (turistas humanos) no habitat gerou estresse crônico nas populações. Fisiologicamente, os gorilas adaptaram-se regulando os níveis de cortisol (hormônio do estresse) para evitar danos severos ao sistema imune.

PRESSÃO SELETIVA

Animal

Morcego-Hortelão (**Eptesicus fuscus**)

Pressão e adaptação

A **poluição luminosa urbana** desregulou os ciclos de sono e caça dos morcegos. Fisiologicamente, eles adaptaram seu relógio biológico interno para atrasar o horário de saída dos abrigos, sincronizando-se com a escuridão artificial tardia.

PRESSÃO SELETIVA

Animal

Urso-Polar (**Ursus maritimus**)

Pressão e adaptação

As **mudanças climáticas (derretimento do gelo)** forçaram os ursos a nadarem distâncias exaustivas. A adaptação fisiológica foi um aumento drástico na eficiência de captação de oxigênio muscular e na capacidade termogênica.

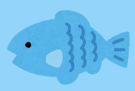
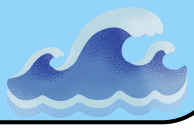
PRESSÃO SELETIVA

Animal

Peixe-Coralino (**Acanthochromis polyacanthus**)

Pressão e adaptação

A **acidificação dos oceanos** prejudicou o sistema sensorial dos peixes. Fisiologicamente, eles desenvolveram tolerância à acidez alterando a condutância dos receptores de neurotransmissores no cérebro para manter o comportamento de fuga ativo.

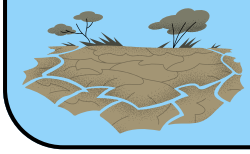
PRESSÃO SELETIVA

Animal

Sapo-Cururu (**Rhinella marina**)

Pressão e adaptação

A **fragmentação e expansão para áreas secas** forçou os anfíbios a se adaptarem a solos áridos. A resposta fisiológica foi uma alteração na permeabilidade da pele (produção de aquaporinas) para evitar a desidratação letal.



PRESSÃO SELETIVA

Animal

Salmão-do-Atlântico (**Salmo salar**)

Pressão e adaptação

A **construção de represas (fragmentação de rios)** impediu a migração natural. Fisiologicamente, as populações presas abaixo das barragens adaptaram-se amadurecendo sexualmente muito mais cedo e em tamanhos menores do que os migrantes originais.

PRESSÃO SELETIVA

Animal

Tartaruga-Verde (**Chelonia mydas**)

Pressão e adaptação

O **aumento global da temperatura das areias de incubação** fez com que quase 99% dos filhotes nascessem fêmeas. Para evitar a extinção, as tartarugas adaptaram-se alterando o limiar de sensibilidade térmica das gônadas masculinas em temperaturas mais altas.

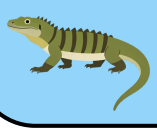
PRESSÃO SELETIVA

Animal

Lagarto-Anolis (**Anolis sagrei**)

Pressão e adaptação

A **introdução de uma serpente exótica predadora** forçou os lagartos a passarem a vida no topo das árvores. Fisiologicamente, eles adaptaram-se desenvolvendo patas com almofadas adesivas maiores e membros mais curtos para não caírem dos galhos finos.



PRESSÃO SELETIVA

Animal

Abelha-da-Terra (**Bombus terrestris**)

Pressão e adaptação

A **poluição por inseticidas químicos (neonicotinoides)** causou sérios danos ao sistema de navegação e memória das abelhas. A adaptação fisiológica foi uma superativação das enzimas de desintoxicação celular no sistema nervoso.

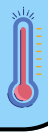
PRESSÃO SELETIVA

Animal

Ostra-do-Pacífico (**Crassostrea gigas**)

Pressão e adaptação

As **mudanças climáticas (ondas de calor marinhas)** provocaram estresse térmico extremo. Fisiologicamente, as ostras adaptaram-se produzindo quantidades massivas de proteínas de choque térmico (HSPs) que protegem as células contra a desnaturação pelo calor.



PRESSÃO SELETIVA

Animal

Coral-Cérebro (**Platygyra daedalea**)

Pressão e adaptação

O **aumento da temperatura da água** forçou a expulsão das microalgas simbiontes (gerando branqueamento). Fisiologicamente, os corais sobreviventes adaptaram-se alterando as vias metabólicas de digestão para absorver nutrientes diretamente da água (heterotrofia) e compensar a falta de simbiose.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Silenciamento de genes por enzimas metiltransferases (Dnmt)

Descrição

Enzimas específicas (Dnmts) adicionam bloqueios químicos diretamente no promotor do gene, impedindo que a maquinaria celular o leia.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Aumento global da metilação do DNA associada ao estresse

Descrição

Adição generalizada de grupos metil diretamente nas bases de citosina do DNA, modificando o perfil de estresse da população sem alterar o código genético.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Silenciamento por Interferência de RNA (siRNA)

Descrição

Moléculas curtas de RNA de fita dupla que se ligam perfeitamente aos RNAs mensageiros alvo, induzindo a sua clivagem e impedindo a tradução de proteínas.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Acetilação de histonas na cromatina

Descrição

Adição de grupos acetil nas caudas das histonas, reduzindo a atração eletrostática entre elas e o DNA, deixando a estrutura relaxada (eucromatina) e ativa.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Variação de ncRNAs Longos (lncRNAs) na população

Descrição

Transcritos de RNA com mais de 200 nucleotídeos que não são traduzidos em proteínas, mas recrutam complexos modificadores de cromatina para ativar genes específicos.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Desmetilação ativa do DNA

Descrição

Processo enzimático que remove os grupos metil das citosinas, revertendo o silenciamento e restaurando a atividade de genes essenciais.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Expressão diferencial de microRNAs (miRNAs) reguladores

Descrição

Pequenas moléculas de RNA de fita simples que agem pós-transcrição, ligando-se ao RNA mensageiro e bloqueando fisicamente a sua tradução ou promovendo sua degradação.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Metilação de proteínas histonas (compactação da cromatina)

Descrição

Adição de grupos metil nas caudas das histonas, o que promove a atração física das fibras de DNA, gerando heterocromatina (DNA compactado e inacessível para leitura).

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Remodelamento de cromatina dependente de ATP

Descrição

Complexos proteicos que gastam energia celular para empurrar, ejetar ou reposicionar fisicamente os nucleossomos, regulando a acessibilidade do DNA sem marcas químicas diretas.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Hipometilação global do DNA sob estresse

Descrição

Redução massiva e generalizada dos níveis de metilação ao longo de todo o genoma, permitindo que múltiplos genes de defesa sejam expressos descontroladamente.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Manutenção da eucromatina de defesa (memória epigenética)

Descrição

Estado físico relaxado e descompactado da cromatina em regiões gênicas específicas, permitindo um recrutamento ultra-rápido da maquinaria de transcrição celular diante de novos estresses.

RESPOSTA EPIGENÉTICA

Marcador epigenético

Ativação da transcrição de genes metabólicos adormecidos.

Descrição

Processo de início da transcrição de genes que estavam silenciados, gerando novas cópias de RNA mensageiro (mRNA) prontas para serem traduzidas em enzimas metabólicas.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

MSP (PCR Específico para Metilação)

Descrição

Técnica laboratorial que usa primers desenhados especificamente para identificar se a região de controle do gene está blindada pelas enzimas metiltransferases.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

Sequenciamento por bissulfito (Bisulfite Sequencing)

Descrição

Tratamento químico do DNA com bissulfito de sódio que permite sequenciar e mapear exatamente quais bases de citosina receberam a marcação de metilação.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

Silenciamento por Interferência de RNA (siRNA)

Descrição

Moléculas curtas de RNA de fita dupla que se ligam perfeitamente aos RNAs mensageiros alvo, induzindo a sua clivagem e impedindo a tradução de proteínas.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

ChIP-Seq (Imunoprecipitação de Cromatina com Sequenciamento)

Descrição

Ferramenta molecular que utiliza anticorpos específicos para isolar proteínas histonas modificadas e sequenciar as regiões de DNA que estavam relaxadas.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

RIP-Seq (Imunoprecipitação de RNA seguido de Sequenciamento)

Descrição

Técnica que isola proteínas de interesse e sequencia os RNAs não-codificantes longos que estavam acoplados fisicamente a elas no núcleo celular

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

Pyrosequencing (Pirosequenciamento de DNA)

Descrição

Tecnologia de sequenciamento quantitativo altamente precisa, ideal para medir a porcentagem exata de perda de metilação (desmetilação) em regiões genômicas específicas.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

Transcriptômica por RNA-Seq

Descrição

Análise de alto rendimento que sequencia e quantifica simultaneamente todas as moléculas de RNA ativo (incluindo microRNAs) em um tecido biológico.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

ChIP-qPCR

Descrição

Combina a imunoprecipitação por anticorpos contra histonas modificadas com a reação de PCR quantitativa para analisar a compactação em um gene-alvo específico.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

ATAC-Seq

Descrição

Ensaio genômico avançado que utiliza uma enzima transposase hiperativa para cortar e identificar fisicamente todas as regiões "abertas" e acessíveis da cromatina na amostra.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

Ensaio ELISA de metilação global

Descrição

Teste imunológico de bancada (colorimétrico) que utiliza anticorpos específicos para quantificar a porcentagem total de DNA metilado em uma amostra de forma rápida.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

Western Blot para histonas modificadas

Descrição

Técnica de separação proteica que usa anticorpos específicos para identificar e quantificar visualmente a quantidade de proteínas histonas que estão modificadas e relaxando o DNA.

ANÁLISE GENÉTICA

Ferramenta genética

qPCR (PCR em Tempo Real) para quantificação de expressão

Descrição

Reação de PCR que mede em tempo real a quantidade de cópias de RNA mensageiro de um gene específico, avaliando o nível exato de sua expressão no tecido.

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO

EpiCard
EPIGENÉTICA EM JOGO